动 物 学 研 究 2005, Feb. 26 (1): 76-81 CN 53-1040/Q ISSN 0254-5853
Zoological Research

猪 *STCH* 基因的 Bi-PASA 遗传标记及多态性研究

史宪伟[1], 魏 麟[1,*], 韩洪金[2]

(1. 云南农业大学 动物科学技术学院, 云南省生物多样性与生物技术人才培养基地, 云南 昆明 650201;
2. 中国科学院昆明动物研究所 云南省畜禽分子生物学重点实验室, 云南 昆明 650223)

摘要: 微粒体应激 70 蛋白三磷酸腺苷酶 (*STCH*) 基因属于应激 70 蛋白基因伴侣家族, 在机体免疫反应和疾病抵抗力等方面起重要作用。根据人和小鼠 *STCH* 基因的保守序列设计引物, PCR 扩增到猪 *STCH* 基因第 5 外显子 445 bp 片段。序列测定显示, 猪 *STCH* 基因与人和小鼠 *STCH* 基因分别具有 87.13% 和 80.45% 的同源性。通过测定和比较中国梅山猪、欧洲约克夏猪及 PIC 商品猪的 *STCH* 基因序列, 发现在猪 *STCH* 基因编码区第 5 外显子 1 050 位点上存在一个单碱基突变位点。利用双向特定等位基因 PCR 扩增法 (Bi-PASA) 建立了检测猪 *STCH* 基因变异的遗传标记, 并用该标记分析了 *STCH* 基因在中国家猪 (梅山猪、荣昌猪和金华猪)、欧洲家猪 (约克夏猪、大白猪)、商品猪 (PIC 合成系) 以及欧洲野猪的基因频率和多态性。本研究建立的 Bi-PASA 遗传标记和基因变异信息, 将为进一步分析猪 *STCH* 基因变异与经济性状的相关分析提供基础资料。

关键词: 猪; *STCH*; Bi-PASA; 多态性; 遗传标记
中图分类号: Q959.842 **文献标识码**: A **文章编号**: 0254-5853(2005)01-0076-06

Bi-PASA Genetic Marker and Polymorphism of the Porcine *STCH* Gene

SHI Xian-wei[1], WEI Lin[1,*], HAN Hong-jin[2]

(1. *College of Animal Science and Technology, Yunnan Agricultural University & Center of Biodiversity and Biotechnology, Kunming* 650201, *China*; 2. *Yunnan Key Laboratory of Molecular Biology of Domestic Animals, Kunming Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences, Kunming* 650223, *China*)

Abstract: Microsomal stress 70 protein ATPase core (*STCH*) is a member of the stress 70 protein chaperone family and plays a major role in the immune response and disease resistance of host. Based on the conserved regions of *STCH* gene sequences from human and mouse, a pair of primers was designed for PCR amplification of porcine *STCH* gene. A fragment of 445 base pairs product in the exon 5 of pig *STCH* gene was successfully amplified with the primers. The porcine *STCH* sequence determined from this fragment showed 87.13% and 80.45% nucleotide identity to the corresponding human and mouse *STCH* sequences, respectively. A single nucleotide polymorphism (SNP) was found at the position 1 050 of coding sequence in the exon 5 of porcine *STCH* gene according to the sequencing and alignment of *STCH* genes from Meishan pigs, Yorkshire pigs and PIC commercial pigs. As no cutting sites of all known restriction enzymes could be found for the SNP, Bi-directional PCR amplification of specific alleles (Bi-PASA) was employed to detect the mutation. According to the porcine *STCH* Bi-PASA marker, the gene allele frequencies and gene polymorphisms were analyzed in the Chinese pig populations (Meishan pigs, Rongchang pigs, Jinhua pigs) and European populations (Yorkshire pigs, Large white pigs) as well as a commercial line (PIC pigs). The *STCH* Bi-PASA marker established in this study and polymorphic information obtained from population analysis may be helpful for the further association study between the pig *STCH* gene mutations and economic traits in pigs.

Key words: Pig; *STCH*; Bi-PAA; Polymorphism; Genetic marker

收稿日期: 2004-07-05; 接受日期: 2004-08-11
基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (30270072); 云南省自然科学基金资助项目 (2000C0078M, 2002C0064M)
作者及通讯作者简介: 史宪伟 (1962-), 男 (汉族), 江苏丹阳人, 博士, 教授, 专业为动物遗传学与分子生物学。E-mail: xwshi5@yahoo.com, Tel: 0871-5220521。
* 对本研究具有同等贡献, 共享第一作者。

微粒体应激 70 蛋白三磷酸腺苷酶（microsomal stress 70 protein ATPase，*STCH*）基因是应激 70 蛋白基因伴侣家族（stress 70 protein chaperone family）的一员，在机体免疫反应和疾病抵抗力等方面起重要作用（Otterson et al，1994）。人 *STCH* 基因包含 5 个外显子和 4 个内含子，基因编码区由 1 416 个核苷酸组成（Otterson & Kaye，1997）。*STCH* 蛋白分子量为 60 kD，含有 471 个氨基酸残基，ATP 酶位于蛋白的羧基部分（Otterson & Kaye，1997；Otterson et al，1994）。利用体细胞杂交和细胞原位杂交，Brodsky 等人将 *STCH* 基因定位到人 21 号染色体长臂 q11.1 区域内（Brodsky et al，1995）。在我们前期的研究中，利用物理和连锁基因定位方法已将猪 *STCH* 基因定位到猪 13 号染色体 q46—49 位点上（Shi et al，2002）。同时，猪与人比较基因组研究显示，人 21q11.1 区域与猪 13q46—49 区域具有高度的同源性（Archibald et al，1995）。

单核苷酸变异（single nucleotide polymorphism，SNP）的快速检测方法是开展基因变异与畜禽经济性状相关分析的重要基础。目前，检测 SNP 最常用的方法是 PCR-RFLP，即 PCR 扩增产物的限制性片段长度多态检测方法。然而，由于变异位点有时没有限制性内切酶识别或可识别的限制性内切酶价格过于昂贵，致使 PCR-RFLP 的实际应用具有很大的局限性。Liu et al（1997）建立了双向等位基因 PCR 扩增（bidirectional PCR amplification of specific alleles，Bi-PASA）方法，其基本原理是在原 PCR 的基础上，在所检测的变异位点处再设计包含变异碱基的正反向两个引物，这样，在 PCR 反应中，正向引物扩增一个等位基因，反向引物扩增另一个等位基因。Bi-PASA 既不需要限制性内切酶识别位点，又免去了限制性内切酶的酶切检测过程，只需一次 PCR 反应即可检测出变异位点的两个等位基因，是一个快速、方便和费用低的 SNP 检测方法。

本研究在猪 *STCH* 基因序列分析检测到基因变异的基础上，利用 Bi-PASA 方法建立了检测猪 *STCH* 基因变异的遗传标记；进而利用猪 *STCH* Bi-PASA 标记，研究了 *STCH* 基因在中国家猪、欧洲家猪、国外商品猪和欧洲野猪的多态性，为进一步分析猪 *STCH* 基因变异与猪经济性状的相关分析奠定了基础。

1 材料与方法

1.1 样品来源

中国梅山猪、欧洲大白猪及欧洲野猪的 DNA 样品来源于国际猪基因定位参考家系（PiGMaP）（Archibald et al，1995），中国金华猪、荣昌猪的血液或组织样品采集于当地纯种猪个体，欧洲约克夏猪、长白猪和 PIC（Pig Improvement Company）商品猪的 DNA 样品由美国爱荷华州立大学（Iowa State University）动物科学系分子遗传实验室赠送。本研究实验猪品种名称及数量见表 1。

1.2 DNA 的提取和定量

血液或组织 DNA 的提取采用标准蛋白酶 K 酚/氯仿DNA提取方法（Sambrook et al，1989）。DNA的定量利用核酸/蛋白定量仪（Phamasia，USA）定量。

表 1　猪 *STCH* 基因在不同家猪群体中的基因型和等位基因频率

Tab. 1　Genotypes and allele frequencies of the porcine *STCH* gene in different populations

猪群体 Pig population	受试猪数量 Size of population	基因型 Genotype			等位基因频率 Frequency of alleles	
		AA	AB	BB	A	B
梅山猪 Meishan pig	12	0	1	11	0.04	0.96
荣昌猪 Rongchang pig	22	4	2	16	0.23	0.77
金华猪 Jinhua pig	24	0	0	24	0	1.00
约克夏猪 Yorkshire pig	8	8	0	0	1.00	0
大白猪 Large white pig	15	9	5	1	0.77	0.23
长白猪 Landrace pig	8	8	0	0	1.00	0
PIC 商品猪 PIC commercial pig	25	25	0	0	1.00	0
欧洲野猪 European wild boar	2	2	0	0	1.00	0

定量后的 DNA 稀释至 12.5 μg/mL 以备 PCR 扩增用。

1.3 *STCH* 引物设计与 PCR 扩增

在美国 NCBI（National Center of Biology Information）网站（www.ncbi.nlm.nih.gov）下载到人 *STCH* 基因序列（GenBank 登录号：NM_006948）和大鼠 *STCH* 基因序列（GenBank 登录号：NM_019271），用 DNA 分析软件 DNAstar（5.0）中的 MegAlign 程序对人和大鼠的 *STCH* 核苷酸序列进行排序，找出基因同源性高的区域，在基因外显子 5（exon 5）保守区域设计引物。上游引物的序列（*STCH*-F1）为：TGA GAC AAG CTG TGG AAA TGG，下游引物的序列（*STCH*-R1）为：ACT GCT AGG TCA GGG TCT AC。

PCR 的反应体积为 25 μL，内含 1×PCR buffer，1.5 mmol/L $MgCl_2$，0.2 mmol/L 每种 dNTP，0.15 μmol/L 上游和下游引物，25 μg 模板 DNA。PCR 的反应条件为：预变性 94 ℃ 3 min，40 个循环（94 ℃ 45 s，56 ℃ 45 s，72 ℃ 45 s），后延伸 72 ℃ 5 min。

1.4 *STCH* 序列测定与分析

利用胶回收试剂盒（QIAEXII gel extraction and purification kit，Qiagen，CA，USA）进行 PCR 产物的回收和纯化，在 ABI377 全自动测序仪上测定纯化后的 PCR 产物序列。

1.5 Bi-PASA 遗传标记与基因分型

序列分析在猪的外显子 5 上揭示了一个单碱基变异位点（SNP），由于该变异位点没有内切酶可识别，我们引入了双向特定等位基因 PCR 扩增方法（Bi-PASA）来检测该变异（Liu et al，1997）。在该变异位点处又设计了一对正向引物和反向引物，称为 Bi-PASA-F1 和 Bi-PASA-R1。为了保证检测变异的灵敏性，正向引物和反向引物 3′端第一个碱基即为该变异的碱基。猪 *STCH* 基因 Bi-PASA 引物的序列如下：

Bi-PASA-F1：5′-ggggcgggcgTGGAGCTACCCTTTCT-3′

Bi-PASA-R1：5′-ggggcgggcgCTCCATTTTTCTTTT-CGG-3′

引物中小写碱基为非互补富含 G+C 序列。

猪 *STCH* 基因 Bi-PASA 的扩增体系与上面 PCR 扩增体系基本一致，不同之处是 Bi-PASA 扩增含有 4 条引物（*STCH*-F1，*STCH*-R1，Bi-PASA-F1 和 Bi-PASA-R1），每种引物的浓度为 0.10 μmol/L。优化后的 Bi-PASA 扩增条件为 92 ℃ 3 min，之后是 35 个循环（94 ℃ 30 s，65 ℃ 30 s，72 ℃ 45 s），最后延伸 72 ℃ 5 min。Bi-PASA 扩增片段用 2.5% 琼脂糖凝胶分离，溴化乙锭染色，在 DNA 成像仪上观察拍照。

2 结 果

2.1 猪 *STCH* 基因的序列分析

利用人与小鼠 *STCH* 基因保守序列设计的引物（*STCH*-F1 和 *STCH*-R1）扩增到猪的一个 445 bp DNA 片段，对这一片段纯化定量后进行了序列测定。序列分析提示，猪 *STCH* 基因序列（GenBank 登录号：AF513506）与人 *STCH* 基因序列具有 87.13%的同源性，与小鼠 *STCH* 基因具有 80.45%的同源性。为了检测猪 *STCH* 基因的多态性，我们对梅山猪、大白猪、约克夏猪和 PIC 商品猪进行了序列测定和分析，序列比较后仅发现一个单碱基变异位点（SNP）。该变异出现在 *STCH* 基因编码区第 5 外显子 1 050 位点，梅山猪为碱基 T，约克夏猪和 PIC 商品猪为碱基 C，而大白猪为杂合子（T/C）。

2.2 猪 *STCH* 基因的 Bi-PASA 遗传标记

由于该变异位点没有限制性内切酶可识别，我们采用了双向特定等位基因 PCR 扩增方法（Bi-PASA）来检测该变异。猪 *STCH* 基因 Bi-PASA 共扩增出 3 个片段，一个是 445 bp 片段，为引物 *STCH*-F1 和 *STCH*-R1 扩增出的产物，可作为 PCR 反应的阳性对照；一个是 238 bp 片段，为引物 *STCH*-F1 和 Bi-PASA-R1 扩增出的产物，因这一片段反映的是变异位点约克夏猪的碱基 C，又称为约克夏猪等位基因或等位基因 A；另一个是 215 bp 片段，为引物 Bi-PASA-F1 和 *STCH*-R1 扩增出的产物，这一片段反映的是变异位点的梅山猪碱基 T，故又称梅山猪等位基因或等位基因 B。猪 *STCH* 基因的 Bi-PASA 遗传标记的电泳图见图 1。

2.3 *STCH* 基因在猪群体的基因多态性与等位基因频率

利用猪 *STCH* 的 Bi-PASA 检测标记，我们对中国的梅山猪、金华猪、荣昌猪，欧洲的大白猪、约克夏猪、长白猪以及 PIC 商品猪和欧洲野猪进行了多态性检测。在约克夏猪、长白猪、PIC 商品猪和欧洲野猪中都没有检测到变异，显示为约克夏猪的等位基因或等位基因A型。在中国的金华猪也没有检测到变异，显示为梅山猪等位基因或等位基因B型。

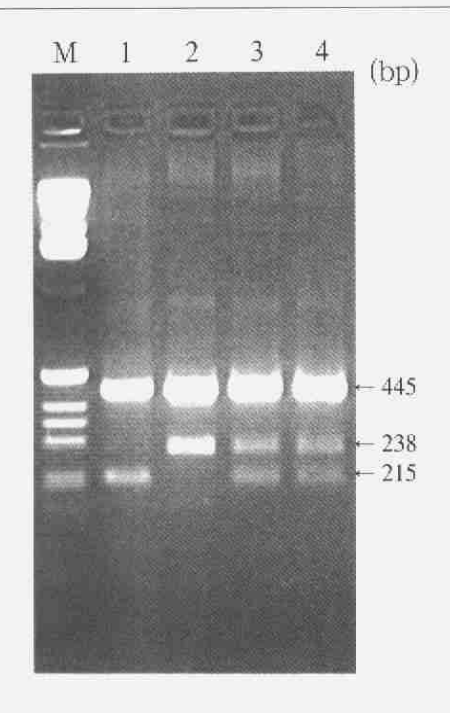


图 1　猪 *STCH* 基因双向特定等位基因 PCR 扩增法（Bi-PASA）遗传标记

Fig.1　The genetic marker of bi-directional PCR amplification of specific alleles (Bi-PASA) for pig *STCH* gene

泳道 M：1 kb 分子量标记；泳道 1：等位基因 B 纯合子；泳道 2：等位基因 A 纯合子；泳道 3—4：等位基因 A 和 B 的杂合子。

Line M: 1 kb ladder; line 1: Homozygous allele B; Line 2: Homozygous allele A; Line 3－4: Heterozygous allele A and B.

在欧洲的大白猪和中国的梅山猪及荣昌猪中检测到不同程度的变异，在 12 头梅山猪中检测到一个杂合子，而在大白猪和荣昌猪中则存在较高的基因变异。各种受试猪的基因型和等位基因频率见表 1。

3　讨　论

3.1　*STCH* 基因的同源性

本研究克隆到的猪 *STCH* 基因第 5 外显子 445 bp 片段与人 *STCH* 基因的核苷酸同源性为 87.13%，与小鼠 *STCH* 基因的核苷酸同源性为 80.45%。为了评价猪 *STCH* 基因与人及小鼠 *STCH* 基因的同源性程度，我们从 GenBank 分别下载了猪、人和小鼠的 growth hormone receptor（*GHR*）、melanocortin 1 receptor（*MC*1*R*）、tyrosinase（*TYR*）、estrogen receptor（*ESR*）、follitropin beta subunit（*FSH-b*）、growth differentiation factor 8（*GDF*8）、obese protein（*Ob*）和 pituitary specific transcription factor 1（*PIT*1）共 8 个基因的 cDNA 编码区序列，并比较了猪基因与人及小鼠相应基因的同源性，结果见表 2。从表 2 可看出，*GDF*8 基因在猪和人的同源性最高，达到 95.0%，而 *FSH-b* 基因的同源性最低，为 87.2%。除 *STCH* 基因外，表中8个功能基因在猪和人的同源性平均为89.6%，

表 2　猪 9 个功能基因与人及小鼠相应基因核苷酸的同源性

Tab. 2　Homology of 9 functional genes among pig, human and mouse

基因 Gene	基因登录号 Gene accession number			基因同源性 Homology（%）	
	猪 Pig	人 Human	小鼠 Mouse	猪与人 Pig and human	猪与小鼠 Pig and mouse
GHR	X54429	X06562	NM_010284	89.1	80.7
*MC*1 *R*	AF326520	AF514787	AB177609	87.9	81.7
TYR	AY012027	BC027179	NM_011661	87.8	84.3
ESR	Z37167	M12674	NM_007956	90.3	85.4
FSH-b	AF134151	NM_000510	NM_008045	87.2	84.4
*GDF*8	AF188638	NM_005259	NM_010834	95.0	91.8
Ob	AF026976	U43653	NM_008493	87.9	83.5
*PIT*1	AF016251	D10216	NM_008849	92.1	85.6
STCH	AF513506	NM_006948	NM_019271	87.1	80.5

所比较的序列均为基因 cDNA 的编码区序列。同源性比较采用 NCBI 的 BLAST 中的 Align two sequences 方法（http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/bl2seq/bl2.html）。

The sequences compared in this study are all coding sequences from the cDNA. Homologous comparisons of the sequences are based on the method of Align two sequences in BLAST of NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/bl2seq/bl2.html).

与小鼠相应基因的同源性平均为84.7%。以上比较可以看出，猪 *STCH* 基因与人及小鼠的 *STCH* 基因的同源性低于比较的其他功能基因的同源性，这可能是我们仅分析了猪 *STCH* 基因编码区的部分序列（外显子5）所致。同时，从表2还可以看出，猪基因与人相应基因的同源性均高于猪基因与鼠相应基因的同源性，提示在利用不同物种基因序列信息设计引物时，在保守区域内应更多地参考人的基因序列。

3.2 Bi-PASA 遗传标记的优越性及限制性因素

双向特定等位基因 PCR 扩增技术（Bi-PASA）是在等位基因 PCR 扩增（PCR amplification of specific alleles，PASA）方法的基础上发展起来的一种检测特定位点变异的新技术。与 PASA 相比（Sommer et al，1992），Bi-PASA 技术可在一次 PCR 反应中检测到两个等位基因，同时由于在特异引物中引入了与模板 DNA 非互补的富含 G+C 序列，使得在 PCR 反应中能以新的扩增片段为模板扩增特定的等位基因，扩增等位基因片段的效率得到极大的提高。但是，Bi-PASA 在应用中也受到以下几个因素的限制：①待检测变异位点的上游和下游核苷酸序列符合引物设计原则，如 C+G 含量在40%～60%时，引物的3′端没有稳定的二聚体和发卡结构等；②变异位点最好不在原 PCR 片段的两端或中间，因为变异位点太靠近某一段而使扩增的一个等位基因片段太小（<50 bp）不利于琼脂糖电泳检测，而变异位点太靠近中间又使得扩增的两个等位基因片段大小太接近也不利于琼脂糖电泳分离；③用于 Bi-PASA 检测的全部4个引物间的 Temperature of Melting（TM）值相差不大，这样可避免在 PCR 反应中因退火温度不同而导致扩增失败。在我们进行猪 *STCH* 基因的 Bi-PASA 遗传标记建立过程中，猪 *STCH* 基因的变异位点及其附近序列基本满足了以上3个条件，在筛选了 PCR 退火温度后顺利地建立了猪的 *STCH* 基因的 Bi-PASA 标记。运用这一标记我们对不同猪群体进行了多态性检测，获得了较好的效果。

3.3 猪 *STCH* 基因在群体中的变异

猪 *STCH* 基因具有两个等位基因，分别对应于欧洲家猪与中国家猪两大类。在欧洲家猪中，约克夏猪、长白猪以及欧洲野猪和 PIC 商品猪都只具有一种等位基因类型（等位基因 A 纯合子），没有出现变异，然而大白猪却具有较高的变异。在中国家猪中，24头金华猪都是等位基因 B 纯合子，没有检测到变异，但在梅山猪和荣昌猪中出现了变异，而且荣昌猪的变异还较高。目前认为，家猪具有两个不同的起源类型，即欧洲家猪和亚洲家猪。猪 *STCH* 基因的多态性也基本反映了这两类起源关系，即欧洲家猪的 *STCH* 等位基因 A 类型和亚洲家猪 *STCH* 基因的等位基因 B 类型。Giuffra et al（2000）采用线粒体 DNA 细胞色素 *b* 基因和3个核基因（*MC1R*，*TYR* 和 *GPIP*）研究了欧洲家猪和亚洲家猪的变异，他们发现以上基因也主要出现两种变异类型，即欧洲变异类型和亚洲变异类型。同时，他们也观察到，欧洲的大白猪为这两种变异的混合类型，由此提出大白猪在品种形成过程中可能受到了来自中国家猪的基因渗入（introgression）。在本研究中，欧洲的大白猪的 *STCH* 基因也出现了两种变异类型，等位基因 A 出现的频率为0.77，等位基因 B 出现的频率为0.23，此结果再次为欧洲大白猪的混合起源提供了佐证。此外，本研究还发现中国的荣昌猪也出现了较高的遗传变异，等位基因 A 出现的频率为0.23，等位基因 B 出现的频率为0.77，与大白猪的情况正好相反。在我们以前的线粒体 DNA 限制性片段长度多态性（mtDNA RFLP）研究中，在3头荣昌猪中共检测到两种 mtDNA 单倍型，在中国家猪中属于线粒体 DNA 变异较高的一个品种（Huang et al，1999）。由此我们推测，中国的荣昌猪在品种培育过程中可能也受到来自欧洲家猪的基因渗入。

致谢：本实验得到美国爱荷华州立大学动物科学系 Christopher K. TUGGLE 教授的技术指导以及欧洲猪基因定位计划项目组（PiGMaP）提供的参考家系 DNA 样品。在中国地方猪种的采样中得到了重庆市畜牧兽医科学研究所副所长黄永富研究员的帮助。在此一并致以衷心的感谢。

参考文献：

Archibald A, Haley C, Brownn J, Couperwhite S, McQueen HA, Nicholson D, Coppieters W, Van de Weghe A, Stratil A. 1995.

The PiGMaP consortium linkage map of the pig (*Sus scrofa*) [J]. *Mammalian Genome*, **6**: 157-175.

Brodsky G, Otterson GA, Parry BB, Hart I, Patterson D, Kaye FJ. 1995. Localization of *STCH* to human chromosome 21q11.1 [J]. *Genomics*, **30**: 627-628.

Giuffra E, Kijas JMH, Amarger V, Carlborg O, Jeon JT, Andersson L. 2000. The origin of the domestic pig: Independent domestication and subsequent introgression [J]. *Genetics*, **154**: 1785-1792.

Huang YF, Shi XW, Zhang YP. 1999. Mitochondrial genetic variation in Chinese pigs and wild boars [J]. *Biochemical Genetics*, **37**: 335-343.

Liu Q, Thorland EC, Heit JA, Sommer SS. 1997. Overlapping PCR for bi-directional PCR amplification of specific alleles: A rapid one-tube method for simultaneously differentiating homozygotes and heterozygotes [J]. *Genome research*, **7**: 389-398.

Otterson GA, Kaye FJ. 1997. A "core ATPase", Hsp 70 like structure is conserved in human, rat, and *C. elegans* STCH proteins [J]. *Gene*, **199**: 287-292.

Otterson GA, Flynn GC, Kratzke RA, Coxon A, Johnston PG, Kaye FJ. 1994. Stch encodes the "ATPase core" of a microsomal stress 70 protein [J]. *EMBO*, **13**: 1216-1225.

Sambrook J, Fritsch EF, Maniaatis T. 1989. Molecular Cloning, a Laboratory Manual [M]. New York: Cold Spring Harbor-laboratory Press.

Shi XW, Zhang YD, Tuggle CK. 2002. Linkage mapping of porcine *STCH* further refines the HSA3/21 breakpoint on pig chromosome 13 [J]. *Animal Genetics*, **33**: 395-397.

Sommer SS, Groszbach AR, Bottema CDK. 1992. PCR amplification of specific alleles (PASA) is a general method for rapidly detecting known single-base changes [J]. *Bio. Techniques*, **12**: 82-87.

中国科学院上海科技查新咨询中心昆明分中心揭牌

中国科学院上海科技查新咨询中心昆明分中心揭牌仪式于2005年12月7日上午，在中国科学院昆明动物研究所举行。

仪式由昆明动物研究所信息中心李健立主任主持，中国科学院昆明分院孙航副院长、云南省科技厅科技奖励办公室杨爱民副主任、昆明动物研究所季维智所长、中国科学院上海生命科学信息中心汤江书记和中国科学院上海科技查新咨询中心洪宪华主任参加了仪式并分别致辞，对分中心的成立表示了祝贺。季维智所长和汤江书记共同为分中心揭牌。

作为一个专业的查新机构，分中心的成立将对云南省的科技查新工作产生重要影响。

信息中心

（中国科学院昆明动物研究所　650223）